

10/538471  
JC06 Rec d PCT/PTO 26578  
03 JUN 2005  
(2)

# BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION

## COPIE OFFICIELLE

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le 29 AVR. 2005

Pour le Directeur général de l'Institut  
national de la propriété industrielle  
Le Chef du Département des brevets

Martine PLANCHE

## BEST AVAILABLE COPY

INSTITUT  
NATIONAL DE  
LA PROPRIÉTÉ  
INDUSTRIELLE

SIEGE  
26 bis, rue de Saint-Petersbourg  
75800 PARIS cedex 08  
Téléphone : 33 (0)1 53 04 53 04  
Télécopie : 33 (0)1 53 04 45 23  
www.inpi.fr

**This Page Blank (uspto)**



26 bis, rue de Saint Pétersbourg  
75800 Paris Cedex 08  
Téléphone : 33 (1) 53 04 53 04 Télécopie : 33 (1) 42 94 86 54

# BREVET D'INVENTION CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI



## REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

page 1/2



Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

08 540 8 11 / 210502

REMISE EN DÉLIVRANCE DATE <b>12 DEC 2002</b> UEU <b>69 INPI LYON</b> N° D'ENREGISTREMENT <b>0215718</b> NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI DATE DE DÉPÔT ATTRIBUÉE <b>12 DEC. 2002</b> PAR L'INPI		<b>1 NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE</b> CABINET LAURENT & CHARRAS 20 Rue Louis Chirpaz B.P. 32 69131 ECULLY Cédex	
<b>Vos références pour ce dossier</b> (facultatif) U19-B-19536 FR			
<b>Confirmation d'un dépôt par télécopie</b>		<input type="checkbox"/> N° attribué par l'INPI à la télécopie	
<b>2 NATURE DE LA DEMANDE</b>		<b>Cochez l'une des 4 cases suivantes</b>	
Demande de brevet		<input checked="" type="checkbox"/>	
Demande de certificat d'utilité		<input type="checkbox"/>	
Demande divisionnaire		<input type="checkbox"/>	
<i>Demande de brevet initiale</i> <i>ou demande de certificat d'utilité initiale</i>		N° _____ Date _____ N° _____ Date _____	
Transformation d'une demande de brevet européen <i>Demande de brevet initiale</i>		<input type="checkbox"/> N° _____ Date _____	
<b>3 TITRE DE L'INVENTION (200 caractères ou espaces maximum)</b> MOLECULES INHIBITRICES DE LA SYNTHÈSE PROTÉIQUE DU VIRUS DE L'HEPATITE C ET PROCÉDE DE CRIBLAGE DESDITES MOLECULES INHIBITRICES			
<b>4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE</b>		Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ <input type="checkbox"/> S'il y a d'autres priorités, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»	
<b>5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)</b>		<input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique	
Nom ou dénomination sociale Prénoms Forme juridique N° SIREN Code APE-NAF Domicile ou siège Nationalité N° de téléphone (facultatif) Adresse électronique (facultatif)		UNIVERSITE JOSEPH FOURIER Université Publique à Caractère Scientifique et Culturel 621 Avenue Centrale 38004 GRENOBLE Cédex 9 FRANCE Française N° de télécopie (facultatif) _____ <input type="checkbox"/> S'il y a plus d'un demandeur, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»	

Remplir impérativement la 2<sup>ème</sup> page



# BREVET D'INVENTION CERTIFICAT D'UTILITÉ

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

page 2/2

BR2

RÉGIME 12-DEC 2002 DATE 69 INPI LYON L'ÉU N° D'ENREGISTREMENT 0215718 NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI		Réservé à l'INPI
<b>6 MANDATAIRE (s'il y a lieu)</b> Nom Prénom Cabinet ou Société N° de pouvoir permanent et/ou de lien contractuel Adresse Rue Code postal et ville Pays N° de téléphone (facultatif) N° de télécopie (facultatif) Adresse électronique (facultatif)		VUILLERMOZ Bruno CABINET LAURENT & CHARRAS 92-2047 20 Rue Louis Chirpaz B.P. 32 69 13 11 ECULLY Cédex FRANCE
<b>7 INVENTEUR (S)</b> Les demandeurs et les inventeurs sont les mêmes personnes		<b>Les inventeurs sont nécessairement des personnes physiques</b> <input type="checkbox"/> Oui <input checked="" type="checkbox"/> Non : Dans ce cas remplir le formulaire de Désignation d'inventeur(s)
<b>8 RAPPORT DE RECHERCHE</b> Établissement immédiat ou établissement différé Paiement échelonné de la redevance (en deux versements)		<b>Uniquement pour une demande de brevet (y compris division et transformation)</b> <input checked="" type="checkbox"/> Établissement immédiat <input type="checkbox"/> Établissement différé <b>Uniquement pour les personnes physiques effectuant elles-mêmes leur propre dépôt</b> <input type="checkbox"/> Oui <input checked="" type="checkbox"/> Non
<b>9 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES</b>		<b>Uniquement pour les personnes physiques</b> <input type="checkbox"/> Requête pour la première fois pour cette invention (joindre un avis de non-imposition) <input type="checkbox"/> Obtenue antérieurement à ce dépôt pour cette invention (joindre une copie de la décision d'admission à l'assistance gratuite ou indiquer sa référence) : AG
<b>10 SÉQUENCES DE NUCLEOTIDES ET/OU D'ACIDES AMINÉS</b> Le support électronique de données est joint La déclaration de conformité de la liste de séquences sur support papier avec le support électronique de données est jointe Si vous avez utilisé l'imprimé «Suite», indiquez le nombre de pages jointes		<input checked="" type="checkbox"/> Cochez la case si la description contient une liste de séquences <input checked="" type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/>
<b>11 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)</b> Bruno VUILLERMOZ, Mandataire		VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI

MOLECULES INHIBITRICES DE LA SYNTHÈSE PROTÉIQUE DU VIRUS DE  
L'HEPATITE C ET PROCÉDE DE CRIBLAGE DESDITES MOLECULES  
INHIBITRICES

5

L'invention se rapporte au traitement de pathologies virales ou non virales dans lesquelles sont impliquées des protéines, dont la synthèse est initiée par le biais d'un site d'entrée interne des ribosomes (IRES), dont au moins une partie de la séquence est similaire d'un IRES à l'autre. Parmi ces pathologies figurent notamment mais de façon non limitative, 10 parmi les pathologies virales, les virus appartenant à la famille des Flaviridae tels que le virus de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV), et parmi les pathologies non virales, les cancers dans lesquels sont impliquées certaines protéines, telles que par exemple les facteurs de croissance fibroblastiques responsables de la néovascularisation des tumeurs en développement, le proto-oncogène c-myc etc....

15 Plus précisément, le traitement proposé dans l'invention consiste à empêcher la fixation du facteur d'initiation de la traduction, eIF3, sur l'ARN constitutif de la partie 5' non codante de la séquence IRES (Internal Ribosome Entry Site) des génomes viraux ou de certains gènes impliqués dans les pathologies précitées, de sorte à inhiber la synthèse protéique. En conséquence, l'invention a également pour objet un procédé de criblage de 20 molécules aptes à inhiber la formation du complexe : séquence de l'IRES / eIF3, en particulier la sous-unité protéique p110 (également dénommée p116 (BLAST P55884)) de eIF3.

Le processus de recherche et développement de nouvelles molécules thérapeutiques 25 «Drug Discovery» nécessite avant tout l'identification de nouvelles cibles associées aux maladies (protéine, ARN ou ADN) et leurs validation. La cible identifiée et validée est ensuite utilisée dans des tests de criblage de molécules, qui permettent de sélectionner des molécules actives. C'est cette approche qui est proposée par le Demandeur, la cible étant constituée par une séquence spécifique d'IRES.

30

Dans la suite de la description, l'invention est plus particulièrement décrite en rapport avec le traitement du virus du VHC bien que celle-ci s'applique également au virus de la peste porcine (CSFV) ou celui de la diarrhée bovine (BVDV), et ce, compte tenu de la forte homologie existant entre ces virus appartenant à la même famille.

Le virus de l'hépatite C a été identifié comme étant responsable de l'hépatite non A non B développée fréquemment au cours de pathologies chroniques malignes, du type par exemple cirrhose du foie ou encore carcinome hépato-cellulaire. Le VHC est transmis par transfusion sanguine ou de dérivés sanguins. Le génome du VHC se présente sous forme  
5 d'ARN simple brin d'une taille avoisinant les 9,4 kB et codant pour une polyprotéine unique constituée de 3 010 acides aminés (CHOO et al., 1989).

Contrairement au schéma classique, l'initiation de la traduction de l'ARN messenger de VHC ne se fait pas par reconnaissance de la coiffe (ou CAP), puisque celle-ci est absente  
10 (traduction dite "cap-dépendante"), mais par le biais d'un site d'entrée interne des ribosomes (IRES), positionné au niveau de la région 5' non traduite (5'-UTR) du VHC, entre les nucléotides 40 et 372 de la séquence du VHC (traduction dite "cap-indépendante"). Le mécanisme de synthèse des protéines virales étant très différent de celui de la cellule-hôte, une stratégie possible de développement de nouvelles molécules  
15 thérapeutiques consiste à inhiber la synthèse protéique virale sans influence aucune sur la synthèse protéique de la cellule hôte. De plus, la séquence de l'IRES étant une région très conservée chez ce virus réputé très variable (92% d'homologie), on peut s'attendre à ce que l'utilisation de cette séquence comme cible, soit particulièrement intéressante.

20 Différentes études de structures ont montré que l'IRES du VHC était replié sur lui-même pour former trois domaines ou régions, en boucle, respectivement les régions II (IIa, IIb), III (IIIa, IIIb, IIIc, IIId, IIIe, IIIf) et IV tels que représentées sur la figure 1 (ZHAO et al, 2001), l'IRES comprenant en outre un codon start AUG. L'ARN simple brin du CSFV et du BVDV contient également une séquence IRES contenant un codon start AUG, la  
25 structure de l'IRES étant similaire à celle du VHC (figure 1) En outre et comme le montre la figure 2, l'alignement des séquences constitué du génome de ces trois virus montre une forte homologie de la région II de l'IRES, notamment du site de reconnaissance MRR, ce qui tend à laisser penser que les molécules agissant sur l'IRES du VHC pourraient également agir sur celui du CSFV ou du BVDV.

30 En pratique, l'initiation de la traduction de l'ARNm débute par la reconnaissance et la fixation par l'IRES de la sous-unité ribosomique 40S et de facteurs d'initiation, en particulier, le facteur d'initiation dénommé "eIF3".

Le facteur d'initiation eIF3 est un complexe multiprotéique constitué de 10 sous-unités  
35 différentes telles que par exemple p47, p66, p110/166 et p170. Les études de prédiction

de structures ont montré que la sous-unité p110 présentait dans sa partie centrale, située entre les acides aminés 185 et 279, un motif de reconnaissance de l'ARN (MRR). La localisation du motif de reconnaissance de la sous-unité p110 de eIF3 est représentée sur la figure 2. Ce type de motif est retrouvé dans un grand nombre de protéines se liant à l'ARN (RNA binding protein), telles que par exemples les protéines hnRNP ou encore snRNP, mais également dans quelques protéines se liant à de l'ADN simple brin. D'après les algorithmes de prédiction de structure secondaire, la partie centrale de la sous-unité p110 est repliée selon une conformation similaire à celle des MRR connus pour les acides aminés conservés IVVD et TK/RGF/YVE localisés dans des feuilles 1 et 3 correspondants aux motifs de reconnaissance RNP-2 et RNP-1 (voir figure 2). Bien que de par sa structure secondaire et son homologie, le MRR de p116 de eIF3 réponde aux critères putatif RNA-binding proteins, sa réelle capacité à fixer l'ARN n'a jamais été mise en évidence auparavant.

En effet, le document FR-A-2 815 358 décrit une méthode de traitement de l'hépatite C consistant à empêcher la synthèse protéique du VHC par inhibition supposée de la fixation de la sous-unité p110 de eIF3 sur la région III de l'IRES. Les molécules candidates à cette inhibition correspondent à des polypeptides présentant une affinité avec la région III de l'IRES supérieure à celle de la sous-unité p110 de eIF3. En pratique, les inhibiteurs polypeptidiques sont obtenus par criblage de protéines p110 mutées avec la séquence IRES de VHC. Plus précisément, seule la partie centrale correspondant au motif de reconnaissance (MRR) est mutée, le polypeptidique étant susceptible de se fixer sur la boucle IIIb de l'IRES de VHC avec une affinité supérieure ou égale à celle du MRR non muté de p110. En pratique, les mutations sont introduites dans le MRR par mutagenèse aléatoire ou par mutagenèse ciblée selon la technique de phage display. Là encore, aucune indication n'est donnée concernant la séquence nucléotidique de la région III de l'IRES susceptible d'interagir avec le MRR muté. En outre, aucun résultat d'une éventuelle inhibition n'est donné dans les exemples.

Sizova et al, 1998, ont montré que eIF3 protégeait la région apicale IIIb de l'IRES du VHC et du CSFV, en particulier les Nt 204, 212, 214, 215 et 220 (voir figure 1 du document), du clivage enzymatique ou de modifications chimiques. Plus récemment, Kieft et al, 2001, en utilisant les mêmes méthodes que celles mises en œuvre par SIZOVA précité, ont identifié les nucléotides de la boucle IIIb comme étant les éléments principaux de l'interaction. De plus, en utilisant la technique dite «filter-binding assay»,

ces différents auteurs ont montré que la délétion de la région apicale IIIb entraînait une diminution de l'interaction eIF3-IRES d'au moins 10-fois. Ainsi, la boucle apicale IIIb est actuellement considérée comme étant le site le plus probable de fixation de eIF3. Toutefois, aucun de ces documents ne montre de manière précise l'existence d'une  
5 interaction entre le domaine IIIb isolé et eIF3. De même, aucun d'entre eux n'identifie une séquence d'ARN spécifique se liant à eIF3.

Buratti et al, 1998, a montré que les protéines p170 et 116/p110 de eIF3 se liaient à la région III de l'IRES de VHC sans toutefois, là encore, identifier la séquence d'ARN de  
10 l'IRES envisagée.

On sait que les ARN-binding protéines et leur MRR ne reconnaissent que des séquences courtes (<10 nt) à l'intérieur de ces ARN bien qu'elles soient impliquées dans le transport et la maturation d'ARN messagers comprenant 1000nt et plus. Or, parmi ces séquences  
15 courtes, il est important d'identifier la séquence minimale de l'ARN de l'IRES interagissant avec le MRR. En effet, l'identification de cette séquence minimum permet tout d'abord de comprendre le mécanisme de l'interaction, mais aussi de concevoir des oligonucléotides antisens complémentaires (de taille comprise généralement entre 30-35nt) susceptibles d'inhiber la formation du complexe ARN/protéine ou dans le cas  
20 d'ARNi (ARN d' interférence ou silencing de taille comprise entre 21-23 nt) de cibler la région d'interaction. L'identification de la séquence minimale est également essentielle pour effectuer les études structurales nécessaires pour le criblage in silico ainsi que pour l'optimisation de molécules actives. Selon une technique connue de l'homme du métier, on recherche la structure atomique du complexe ARN/protéine ou ARN seul en 3  
25 dimensions par RMN. On sait que cette technique ne peut être utilisée que pour des fragments d'ARN seul ou complexé, de faible taille (inférieure à 25 Nt). Une seconde technique correspond à la cristallographie aux rayons X, technique qui peut être appliquée aux fragments d'ARN de plus grande taille limitée toutefois à 70nt. Au contraire, la cristallographie des protéines n'est pas limitée par la taille mais ne peut  
30 cependant n'être appliquée que sur des protéines isolées et non sur des complexes multiprotéiques, tels que eIF3. Mais dans la mesure où le MRR de eIF3 a été préalablement identifié, cette seconde technique peut être également envisagée à la condition de travailler sur des ARN de taille la plus faible possible, inférieure à 70 Nt.

En d'autres termes, l'un des problèmes que se propose de résoudre l'invention est d'identifier précisément la plus petite séquence d'ARN de l'IRES se liant au MRR de p110, de sorte à pouvoir utiliser cette séquence dans des méthodes de criblage de molécules d'intérêt, notamment par RMN ou cristallographie.

5

Au cours de sa recherche, le Demandeur a non seulement découvert que la sous-unité p110 de eIF3 ne se fixait pas sur la région III mais sur la région II de l'IRES de VHC, mais également réussi à identifier précisément la séquence nucléotidique de l'IRES, dénommée par la suite séquence consensus, interagissant avec le MRR de p110.

10

Compte tenu de l'homologie existant entre la séquence IRES de VHC et celles du CSFV et du BVDV, la découverte de la séquence consensus permet d'envisager de traiter les différentes pathologies dans lesquels ces virus sont impliqués, en bloquant la synthèse protéique par inhibition de la fixation de la sous-unité protéique p110 de eIF3, en particulier de son MRR, sur la région II de l'IRES de VHC.

15

Les molécules candidates peuvent être des molécules existantes ou futures dont les propriétés inhibitrices sont testées par criblage.

20 En conséquence, l'invention concerne tout d'abord un procédé de criblage de molécules selon lequel, in vitro :

- a/ on incube ensemble la sous unité p110 (SEQ ID4) de la protéine eIF3, la séquence nucléotidique de la région II (SEQ ID2) de l'IRES de VHC ou toute séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de la région II (SEQ ID 2) de l'IRES de VHC et la molécule à tester,
- 25 b/ on détecte ensuite la formation éventuelle de complexe p110 / région II IRES, l'absence de complexe témoignant de la capacité inhibitrice de la molécule testée, à inhiber la formation desdits complexes,
- c/ on sélectionne les molécules inhibant la formation des complexes.

30

Par molécule, on désigne toute molécule chimique d'origine synthétique ou naturelle, connue ou future.

Comme déjà dit, la sous unité p110 de eIF3 contient un motif de reconnaissance de l'ARN (MRR) situé dans la partie centrale, plus spécifiquement entre les acides aminés 175 et

35

279 de la séquence SEQ ID4. La séquence d'acides aminés du MRR de p110 correspond à la séquence SEQ ID5.

5 En d'autres termes et dans un mode de réalisation avantageux du procédé de criblage de l'invention, seule la séquence du motif de reconnaissance de la protéine p110 (SEQ ID5) est incubée.

10 Par ailleurs et comme il sera démontré dans les exemples, le Demandeur a identifié précisément la séquence de la région II de l'IRES du VHC se liant au motif de reconnaissance de la protéine p110. Cette séquence dénommée dans la suite de la description "séquence consensus" contient 36 nucléotides situés entre les nucléotides 56 et 92 de la séquence IRES du VHC. La séquence de 35 nucléotides correspond à la séquence SEQ ID3.

15 En conséquence et dans un mode de réalisation préféré, seule une partie de la région II est incubée et correspond à la séquence nucléotidique consensus SEQ ID3 ou une séquence comprenant au moins 8nt successifs de la séquence SEQ ID 3.

20 En pratique, l'incubation est effectuée dans une solution tampon à température ambiante. Avantagusement, des concentrations croissantes de molécules à tester sont incubées afin de détecter une efficacité éventuellement dose dépendante.

25 La seconde étape du procédé consiste à détecter la formation de complexe protéine / ARN. Toute méthode de détection connue de l'homme du métier peut être mise en œuvre. Avantagusement, la détection est effectuée par filtration du mélange au travers d'une membrane de nitrocellulose, puis par mesure de la radioactivité liée à la membrane correspondant à la quantité d'ARN fixée sur la membrane.

30 D'autres techniques peuvent être utilisées telles que SPA (Scintillation Proximity Assay), HTRF(Homogeneous Time-Resolved Fluorescence), LANCE (Lanthanide Chelation Excitation), FP(Fluorescence Polarization), FCS (Fluorescence Correlation Spectroscopy), FL (Fluorescence Lifetime Measurements).

35 Dans un mode de réalisation avantageux, le procédé de criblage de l'invention comprend deux étapes supplémentaires consistant à tester, ex vivo, l'influence de la molécule

sélectionnée sur la traduction cap-indépendante et la traduction cap-dépendante, et à ne retenir que les molécules inhibant la traduction cap-indépendante du VHC sans influencer la traduction cap-dépendante.

5 Cette étape peut être mise en œuvre par toute méthode connue de l'homme du métier, en particulier par la construction de vecteurs bicistroniques constitués de deux luciférase encadrant la séquence de la région II (SEQ ID 2) ou toute séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de la région II (SEQ ID 2), ou la séquence consensus (SEQ ID 3) ou une séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 10 3 ; la première luciférase étant traduite de manière cap-dépendante et la seconde de manière cap-indépendante ou inversement. Des cellules sont ensuite transfectées par les vecteurs bicistroniques puis le taux de traduction par Dual Luciférase est mesuré. Les cellules susceptibles d'être transfectées sont choisies de manière classique par l'homme du métier, telles que par exemples les cellule HeLa ou encore Huh 7.

15

En conséquence, l'invention concerne également l'utilisation des molécules identifiées à l'issue du procédé de criblage précédemment décrit pour la préparation d'un médicament destiné au traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

20

Plus largement, toute molécule apte à d'inhiber in vitro la fixation de la protéine p110, en particulier son motif de reconnaissance (MRR) sur la région II ou une séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de la région II (SEQ ID 2), notamment une partie de la région II correspondant à la séquence SEQ ID3 ou une séquence comprenant au moins 8 25 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3, peut être utilisée pour la fabrication d'un médicament destiné au traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

Dans le cadre d'un premier essai mettant en œuvre le procédé de criblage de l'invention, le 30 Demandeur a constaté que les aminoglycosides, en particulier la tobramycine, étaient aptes à inhiber la fixation du MRR de p110 sur la séquence consensus de la région II de l'IRES et qu'en outre, cette inhibition n'affectait pas la traduction cap-dépendante.

En conséquence, l'invention concerne également l'utilisation d'aminoglycosides, en particulier de la tobramycine, pour la fabrication d'une composition destinée au traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

5 Par ailleurs, la découverte de la séquence consensus rend possible l'utilisation d'un oligonucléotide anti-sens complémentaire de la séquence SEQ ID 3 ou toute séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3 comme médicament, en particulier pour le traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV). Dans le même sens, des ARNi contenant 19  
10 nucléotides de la séquence SEQ ID 3 (séquence consensus) flanqués par UU peuvent être utilisés comme médicament pour le traitement des mêmes pathologies que ci-avant.

Dans un premier mode de réalisation, l'invention a donc également pour objet une composition pharmaceutique comprenant un oligonucléotide anti-sens complémentaire de  
15 la séquence SEQ ID 3 ou toute séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3.

Comme déjà dit, les molécules testées dans le procédé de criblage peuvent être des molécules connues telles que par exemple les aminoglycosides mais également des  
20 molécules restant à développer.

Dans ce dernier cas, il apparaît possible, d'identifier in silico, à partir d'une bibliothèque de molécules, des molécules capables d'inhiber la synthèse protéique des virus appartenant à la famille de Flaviridae.

25

En conséquence, l'invention concerne également un procédé de criblage d'une bibliothèque de molécules in silico consistant :

- à déterminer les coordonnées atomiques soit de la région II de l'IRES (SEQ ID 2) du VHC ou de toute séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de la région II (SEQ ID 2) de l'IRES de VHC, soit de la séquence se liant  
30 spécifiquement au MRR de la protéine P110 de eIF3 (SEQ ID 3) ou une séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3, soit du complexe de la région II (SEQ ID 2) ou de la séquence spécifique (SEQ ID 3) avec le motif de reconnaissance de la protéine p110 de eIF3 (SEQ ID

35

5)

- puis à cribler la bibliothèque de molécules chimiques avec les coordonnées atomiques ainsi déterminées.

Tout logiciel connu de l'homme du métier pourra être utilisé pour la détermination des  
5 coordonnées atomiques.

Les molécules ainsi identifiées pourront alors être testées dans le procédé décrit précédemment consistant à détecter in vitro des complexes ARN/protéine.

10 L'invention et les avantages qui en découlent ressortiront mieux de l'exemple de réalisation suivant à l'appui des figures annexées.

La figure 1A est une représentation de la structure de l'IRES de VHC. Celui-ci est constitué de 3 domaines en boucle, II (IIa, IIb), III (IIIa, IIIb, IIIc, IIId, IIIe, IIIf) et IV.

15 La figure 1B correspond à un alignement de séquences d'une partie de l'IRES de VHC, du BVDV et du CSFV (Nt 1 à 120). Comme le montre cette figure, il existe une forte homologie entre ces trois virus, notamment entre les nucléotides 80 et 110 situés dans la région II.

La figure 2 montre la localisation du Motif de Reconnaissance de l'ARN dans la sous-unité p110 de eIF3 et la prédiction de sa structure secondaire.

20 La Figure 3 compare la capacité du MRR de p110 à se fixer sur les régions II, IIIabc, IIIefIV et la totalité de l'IRES de VHC.

La figure 4 est un schéma montrant le principe du procédé de production de sous-fragments aléatoires de l'IRES de VHC.

25 La figure 5 est un schéma montrant le principe du procédé de sélection des sous-fragments aléatoires spécifiques du MRR de p110 de eIF3 obtenus selon le schéma de la figure 4, (5A) et les séquences des matrices de transcription et des amorces utilisées (5B).

30 La Figure 6 représente les résultats d'alignement de séquences d'ARN (orientation antisens) sélectionnés à la fin des 4ème et 5ème cycle de sélection/amplification (6A) et la localisation de la séquence «consensus» (orientation sens) dans l'IRES du VHC (6B).

La figure 7 montre la capacité de la séquence consensus à inhiber l'interaction entre IRES et MRR de p110.

35 La figure 8 représente l'effet des aminoglycosides sur la traduction cap-dépendante ex vivo.

La figure 9 représente la capacité des aminoglycosides à inhiber la fixation du MRR d'eIF3 sur la séquence consensus de la région II de l'IRES de VHC.

Exemple 1 : Mise en évidence de la capacité du motif de reconnaissance (MRR) de p110 à se fixer sur la région II de l'IRES de VHC

1/ Clonage et expression du motif de reconnaissance de p110 de eIF3

La séquence d'acides aminés du motif de reconnaissance (MRR) de la protéine p110 correspond à la séquence SEQ ID5 située entre les acides aminés 175 et 279 de la séquence SEQ ID4 (correspondant à la séquence de la protéine p110). L'ADNc codant pour le MRR est amplifié par RT-PCR à partir d'ADN extrait de cellules HeLa en présence des amorces suivantes :

- SEQ ID6 : CATATGGATCGGCCCCAGGAAGCAGATGGAATC
- SEQ ID7 : GTGCTCGAGCCACTCGTCACTGATCGTCATATA

Le fragment amplifié est cloné dans un plasmide pET-30b (Novagen) en fusion avec His<sub>6</sub>-Tag C-terminal entre les sites *Nde* et *Xho*. La protéine est ensuite produite dans *E. Coli* (souche BL21lysS) puis purifiée sur Ni<sup>2+</sup> - NTA agarose dans des conditions natives.

2/ Synthèse de l'IRES total et ses fragments IIIabc, IIIefIV et IIab

a/ Principe

On synthétise et on clone 4 séquences nucléotidiques différentes, respectivement :

- une séquence nucléotidique correspondant à la totalité de l'IRES située entre les nucléotides 40 et 372 de l'ADN de VHC (b),
- une séquence nucléotidique correspondant à la région IIIabc, située entre les nucléotides 141 et 252 de l'ADN de VHC (c),
- une séquence nucléotidique correspondant à la région IIIefIV située entre les nucléotides 250 et 372 de l'ADN de VHC (d),
- une séquence nucléotidique correspondant à la région IIab située entre les nucléotides 40 et 119 de l'ADN de VHC (e).

b/ Clonage de la totalité de la séquence nucléotidique de l'IRES (SEQ ID1)

L'ADNc de l'IRES (SEQ ID1) est amplifié par RT-PCR à partir d'ARN total isolé de patients atteints du VHC (génotype 1b) en présence des amorces nucléotidiques suivantes :

5            SEQ ID8 : ACCGCTAGCCTCCCCTGTGAGGAACTACT  
               SEQ ID9GAAAGCTTTTTTCTTTGAGGTTTAGGATTTGTGCTCATGATGC  
               ACG

Le fragment amplifié est d'abord cloné dans un plasmide pGEM-T puis ensuite dans pSP-luc+ (Promega) entre des sites *NheI* et *Hind III*. Le plasmide pSP-IRES-luc+ ainsi  
 10 obtenu contient l'IRES du VHC cloné en fusion avec la luciférase sous contrôle du promoteur SP6.

Une fois séquencée (GenomeExpress, Grenoble), la séquence de l'IRES a été alignée et comparée aux autres séquences d'IRES déposées dans les banques (telles que D49374 ou  
 15 AF139594). L'identité observée était de 96,6% ce qui correspond au taux moyen de variabilité génomique des IRES entre différentes souches du VHC.

c/ Synthèse de la région IIIabc

La synthèse de l'ADNc de la région IIIabc est effectuée de la manière suivante. Deux  
 20 oligonucléotides chevauchant, dont le premier, SEQ ID10, est constitué du promoteur de la T7 polymérase et de la séquence nucléotidique de la région IIIa et IIIb (Nt 139-215 de l'ARN de VHC) et le second, SEQ ID11, de la séquence nucléotidique de la région IIIb et IIIc (Nt 193-252 de l'ARN de VHC) sont hybridés en présence d'un fragment de Klenow. Les oligonucléotides ont les séquences suivantes :

25            - SEQ ID10 : TAATACGACTCACTATAGGGTAGTGGTCTGCGGAACCGGT  
               GAGTACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCCTTTCTTGGATAAACCCGCT  
               CAA  
               - SEQ ID11 : TAGCAGTCTCGCGGGGGCACGCCCAAATCTCCAGGCATTG  
               AGCGGGTTGATCCAAGAAAG

30            Le fragment d'ADNc double brins obtenu est ensuite amplifié par PCR en présence de T7 correspondant à la SEQ ID 12 : TAATACGACTCACTATAGGG.  
               et d'un oligonucléotide flanquant dont la séquence est la suivante :

              - SEQ ID13 : TAGCAGTCTCGCGGGGGCACG

35

d/ Synthèse de la région IIIefIV

L'ADNc correspondant à la région IIIefIV (Nt 250-372) a été obtenu par amplification PCR du plasmide pSP-IRES-luc+ à l'aide des amorces dont les séquences nucléotidiques correspondent à celles de SP6 (SEQ ID14 : TATTTAGGTGACACTATAGAAT) et SEQ ID13. Le plasmide pSP-IRES-luc+ résulte de la digestion du plasmide pSP-IRES-luc+ par NheI, les sites de coupure étant situés entre les nucléotides 39/40 et 248/249 de l'IRES. Le produit d'amplification SP6 -> SEQ ID13 est ensuite utilisé comme matrice dans la réaction de transcription in vitro à l'aide de la SP6-polymerase (SP6 MEGAscript, Ambion).

10

e/ Synthèse de la région IIab

L'ADNc correspondant à la région IIab a été obtenu par amplification par PCR du plasmide pSP-IRES-luc+ à l'aide des amorces SP6 (SEQ ID 14) et SEQ ID 15 GTCCTGGTGGCTGCAGGACACTCATAC. Le produit d'amplification SP6 -> SEQ ID est ensuite utilisé comme matrice dans la réaction de transcription in vitro à l'aide de la SP6-polymerase.

15

3/ Fixation du MRR de p110 sur l'IRES et ses domaines IIIabc, IIIefIV, IIab

Des fragments d'ARN radiomarqués sont obtenus par transcription in vitro des matrices précitées en présence de [ $\alpha$ -32P]UTP. Les fragments d'ARN sont purifiés dans un gel à 6 % d'acrylamide-urée et précipités. Les culot d'ARN sont repris dans 25mM Tris-HCl, pH 7,4. Afin de permettre la rénaturation, l'ARN a été incubé à 65°C dans le tampon précité pendant 5-7min puis lentement refroidi jusqu'à température ambiante. Les ARN rénatérés ont été incubés avec des concentrations croissantes de protéine dans le même tampon 25mM Tris-HCl, pH 7,4, à température ambiante pendant 5 min.

25

Le mélange de protéines et d'ARN est ensuite déposé sur une membrane de nitrocellulose préalablement lavée avec le même tampon. La radioactivité du filtre contenant les complexes ARN-protéine a été mesurée à l'aide de compteur de radioactivité MicroBeta Trilux (PerkinElmer).

30

Dans l'hypothèse d'une inhibition compétitive, le MRR de p110 a été préalablement incubé avec de l'ARN non radiomarqué (concentration : protéine 0,7  $\mu$ M, ARN : 0,1 à 1  $\mu$ M) pendant 30 min à température ambiante suivi de l'ajout de l'ARN de l'IRES

radiomarqué. L'analyse de fixation de l'ARN sur la protéine a été effectuée exactement comme décrit ci-dessus.

#### 4/ Résultats

5

L'affinité des motifs de reconnaissance d'ARN (MRR) de la sous-unité p110 de eIF3 pour l'IRES entier et ses fragments II, IIIabc et IIIefIV a été étudié par rétention sur nitrocellulose. Comme il apparaît sur la Figure 3, la protéine fixe l'IRES avec un Kd apparent de 0,8 $\mu$ M. Cependant, l'affinité de MRRp110 pour le fragment IIIabc (site putatif de fixation de eIF3) est significativement inférieure à celle pour l'IRES et comparable à celle pour IIIefIV utilisé comme témoin négatif. Cela était inattendu, d'autant que les résultats publiés antérieurement supposaient que la partie apicale de la boucle formant la région IIIb était le site probable de fixation de eIF3 ( Sizova D, 1998, Buratti, 1998 Kieft et al, 2001), FR-A-2 815 358. En réalité et comme montre cette figure, le motif de reconnaissance de eIF3 se trouve non pas sur la région IIIabc mais sur la région II.

#### Exemple 2 : Identification de la séquence consensus se liant au MRR p110

20        1/ Production de sous-fragments aléatoires de l'IRES de VHC et procédé de sélection de fragments spécifiques se fixant au MRRp110 de eIF3

La méthode dénommée SERF (Selection of Random Fragments) décrite par STELZ (2000) est utilisée pour synthétiser les séquences aléatoires de l'IRES. Son principe est représenté sur la figure 4.

25

##### a/ Production des sous-fragments

2  $\mu$ g ADNc de l'IRES sont digérés par 5U d'une Dnase I (Rnase-free, Amersham), à température ambiante, pendant 15 minutes, permettant d'obtenir des fragments d'ADNc, dont la taille varie entre 30 et 100 nucléotides. Des bouts francs sont générés à l'extrémité des fragments d'ADNc obtenus, par Taq-polymérase à 72°C, pendant 10 minutes dans un tampon PCR à base de dNTP 1 mMol. La Taq-polymerase ajoute en même temps des résidus supplémentaires « dA » à l'extrémité 3' de fragments (Figure 4). Ceci permet d'augmenter l'efficacité de ligation des fragments obtenus dans le vecteur pGEM-T-Easy (Promega), muni à son tour de « dT » complémentaires à l'extrémités 5' (Figure 4).

35

Les fragments d'ADN sont ensuite clonés en présence de T4 DNA ligase (BioLabs) dans un vecteur pGEM-T Easy (Promega) entre les promoteurs T7 et SP6. Les fragments d'ADN sont ensuite amplifiés en présence des oligonucléotides T7 et SP6 puis le produit d'amplification est utilisé comme matrice pour la transcription par SP6 (MEGAscript, 5 Ambion). Les transcrits de taille supérieurs à 200nt correspondant aux transcrits avec l'insert > 60nt ont été purifiés sur gel d'acrylamide 10% 8M urée (figure 4, M correspondant à des marqueurs ARN "Century markers", Ambion).

b/ Sélection des sous-fragments

10 La protéine recombinante MRRp110 de eIF3 est purifiée sur colonne Ni-NTA-agarose dans des conditions natives (figure 5). La protéine purifiée est ensuite incubée avec la bibliothèque constituée des fragments d'ARN purifiés obtenus ci-avant dans un tampon 25mM Tris-HCl, pH 7,4 pendant 15 min à température ambiante. La concentration de l'ARN est, au départ égale à 0,2  $\mu$ M et celle de la protéine, égale à 0,8  $\mu$ M. Le mélange 15 protéine / ARN est ensuite déposé sur une membrane de nitrocellulose préalablement lavée avec le même tampon. Le filtre contenant les complexes ARN-protéine est ensuite coupé en morceaux et l'ARN est extrait avec une solution SDS, 0,1%, sodium acetate 0,3M pH 5,0 pendant une heure à température ambiante. L'ARN est ensuite récupéré par 20 précipitation dans l'éthanol en présence d'ARNt utilisé pour faciliter la précipitation. Le culot d'ARN est ensuite repris dans 10 $\mu$ l d'eau et soumis à une transcription inverse en présence de la reverse transcriptase «Stratascript» de l'oligonucléotide T7 (Stratagene). Les fragments d'ADN simple brin sont ensuite amplifiés par PCR au moyen de l'oligonucléotide T7 (SEQ ID 14), de l'oligonucléotide SP6 (SEQ ID 14) et de la séquence SEQ ID 16 correspondant à la région linker adjacente à SP6.

25 - SEQ ID 16: TATTTAGGTGACACTATAGAATACTCAAGCTATGCAT  
CCAACGCGTTG

Une PCR de contrôle est conduite parallèlement avec les oligonucléotides SP6 et T7 afin de confirmer l'absence d'ADN-matrice contaminant, parmi les ARN sélectionnés. Les fragments amplifiés par PCR sont ensuite purifiés puis utilisés comme matrice de 30 transcription dans le cycle suivant. Le cycle de sélection / amplification est répété 5 fois. Les produits de RT-PCR sont analysés sur gel d'agarose 2 % (figure 5 :  $\Phi$ x sont des markers ADN (stratagène), 1 et 2 sont des produits d'amplification obtenus avec les amorces SP6 ou SEQ ID16. La concentration d'ARN lors des cycles ultérieurs est égale à 0,058  $\mu$ M et celle de la protéine est diminuée régulièrement d'une valeur de 1,2  $\mu$ M lors 35 du second cycle à une valeur de 0,2  $\mu$ M au cinquième cycle. Les produits de RT-PCR

obtenus après les quatrième et cinquième cycles sont clonés dans un plasmide pTrcHis2-TOPO (Invitrogen) choisi pour faciliter le procédé de clonage en l'absence du promoteur T7. Les plasmides ont été purifiés et séquencés. Les séquences obtenues ont été alignées à l'aide de logiciel Clustal W DNA (Thompson , J.D. et al CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. (1994) Nucleic Acids Research, 22, 4673-4680 ) disponible sur le site du Pôle Bio-Informatique Lyonnais.

## 10        2/ Résultats

Comme illustré figure 6A, parmi 16 séquences d'ARN sélectionnés, clonés au bout de 4 et 5 cycles et séquencés à l'aide T7 amorce, 13 clones contiennent la séquence ACGCCATGCTAGACGCTTTCTGCGTGAAGACAGTA correspondant à l'anti-sens de nt 56-92 de la séquence SEQ ID1, 2 clones contiennent CGCCTCATGCCTGGAGAT (nt 15 61-72 de SEQ ID1) et un clone montre une homologie avec la partie 84-90 de SEQ ID1. Ainsi, ces résultats identifient la région de l'IRES 56-92 SEQ ID3 TACTGTCTTCACGCAGAAAGCGTCTAGCCATGGCGTT comme correspondant au site de fixation de MRR p110 (figure 6B).

20 L'hypothèse de l'inhibition compétitive offre un moyen supplémentaire d'étude de la spécificité de l'interaction en question. Comme il est indiqué sur la figure 7, les séquences consensus des clones 4-35 (DOR 4-35) et 5-4 (DOR 5-4) sont les inhibiteurs les plus efficaces (après l'IRES lui-même) de l'interaction IRES-MRR de p110. Ces résultats confirment que la séquence consensus identifiée est un déterminant de la fixation de MRR 25 p110 sur l'IRES entier.

### Exemple 3 : Test de criblage in-vitro

L'intérêt de la présente découverte est de chercher à inhiber la fixation du MRR de p110 30 sur la séquence consensus SEQ ID 3 de la région II de l'IRES pour empêcher l'initiation de la traduction et par conséquent la synthèse protéique par le VHC.

Parmi les molécules potentielles, le Demandeur a sélectionné les aminoglycosides.

Le test de criblage est effectué comme suit. On incube le MRR de p110 et la séquence consensus de la région II en présence de différents aminoglycosides. Le mélange d'ARN est ensuite déposé sur une membrane de nitrocellulose dans les mêmes conditions que dans l'exemple 2.

5

Les résultats sont représentés sur la figure 8. Parmi les 15 aminoglycosides testés à 4 concentrations différentes, la tobramycine est le seul aminoglycoside capable d'inhiber la formation des complexes ARN-protéines à toutes les concentrations testées.

#### 10 **Exemple 4 : Inhibition de la traduction cap-indépendante ex vivo**

Dans cet exemple, on confirme les résultats de l'exemple 2 en démontrant que l'inhibition de la formation du complexe protéines / ARN empêche la traduction cap-indépendante dans des cellules ex vivo.

15

##### a/ Préparation de vecteurs bicistroniques

Des construits bicistroniques constitués d'un premier cistron correspondant au gène de la luciférase Renilla, suivi de la séquence IRES, suivi d'un second cistron correspondant au gène de la luciférase Firefly (pRluc-IRES-Fluc) sont préparés de la façon suivante. Un plasmide pRL-SV40 (Promega) est linéarisé avec Xba I et déphosphorylé. Parallèlement, l'IRES est amplifié avec le gène de la luciférase Firefly par PCR, en présence d'oligonucléotides complémentaires contenant les sites XbaI. Les produits de PCR sont ensuite sous-clonés dans le plasmide pTrcHis2-TOPO (Invitrogen) afin de contrôler la digestion. La ligation de l'insert contenant l'IRES avec le gène de la luciférase Firefly et le vecteur pRL-SV40 linéarisé est effectuée à l'aide de T4 DNA ligase (Biolabs).

25

##### b/ Transfection de cellule HeLa

$10^7$  cellules HeLa suspendues dans du DMEM exempt de sérum sont transfectées par 1 à 2,5 ug de plasmide pRluc-IRES-Fluc par électroporation à 0,5 V pendant 30 millisecondes au moyen d'un Gene Pulser (BioRad). Les cellules sont ensuite cultivées dans des plaques 24 ou 96 puits en présence de différents aminoglycosides, à des concentrations comprises entre 2 et 5 mM pendant 24-36hs. L'activité de luciférase Renilla (traduction cap-dépendante) et celle de la luciférase Firefly (traduction cap-indépendante=virale) dans les lysats cellulaires est mesurée et comparée au moyen du test Dual-luciférase (Promega) et de luminomètre Lumat LB9507 (Berthold).

35

c/ Résultats

D'après les résultats apparaissant figure 9, la tobramycine bloque la traduction "IRES dépendante" sans affecter la traduction cap-dépendante. Les aminoglycosides bloquent  
5 l'interaction IRES / eIF3 dans la cellule et donc la synthèse de protéine virale. Cela signifie que les aminoglycosides, et plus particulièrement la tobramycine, peuvent être utilisés pour traiter l'hépatite C.

BIBLIOGRAPHIE

1. Choc QL, Kuo G, Weiner AJ, Overby LR, Bradley DW, Houghton M. (1989)  
5 Science 244:359-62 "Isolation of a cDNA clone derived from a blood-borne non-A, non-B viral hepatitis genome."
2. Sizova DV, Kolupaeva VG, Pestova TV, Shatsky IN, Hellen CU (1998) J Virol 72:4775-82, Specific interaction of eukaryotic translation initiation factor 3 with the 5' nontranslated regions of hepatitis C virus and classical swine fever virus RNAs.
- 10 3. Kieft J., Zhou K., Jubin R., Doudna J., RNA (2001), 7:194-206, Mechanism of ribosome recruitment by hepatitis C IRES RNA
4. Buratti E, Tisminetzky S, Zotti M, Baralle FE (1998) Nucleic Acids Res 26:3179-87 Functional analysis of the interaction between HCV 5'UTR and putative subunits of eukaryotic translation initiation factor eIF3.
- 15 5. Zhao WD, Wimmer E. (2001) J Virol 75:3719-30 Genetic analysis of a poliovirus/hepatitis C virus chimera: new structure for domain II of the internal ribosomal entry site of hepatitis C virus.
6. Block KL, Vornlocher HP, Hershey JW. Characterization of cDNAs encoding the p44 and p35 subunits of human translation initiation factor eIF3.  
20 (1998) J Biol Chem. 273:31901-8.
7. Asano K, Vornlocher HP, Richter-Cook NJ, Merrick WC, Hinnebusch AG, Hershey JW. (1997) Structure of cDNAs encoding human eukaryotic initiation factor 3 subunits. Possible roles in RNA binding and macromolecular assembly. J Biol Chem. 272:27042-52.
- 25 8. Stelz U, Spahn C, Nierhaus KH, (2000) Proc Natl Acad Scie USA 97, 4597-4602 «Selecting rRNA binding sites for the ribosomal proteins L4 et L6 from randomly fragmented rRNA application of method called SERF»

REVENDICATIONS

1/ Procédé de criblage de molécules selon lequel, in vitro :

- 5           a/ on incube ensemble la sous unité p110 (SEQ ID4) de la protéine eIF3, la  
séquence nucléotidique de la région II (SEQ ID2) de l'IRES de VHC ou toute  
séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de la région II (SEQ  
ID 2) de l'IRES de VHC et la molécule à tester,  
b/ on détecte ensuite la formation éventuelle de complexe p110 / région II IRES,  
10           l'absence de complexe témoignant de la capacité inhibitrice de la molécule  
testée, à inhiber la formation desdits complexes,  
c/ on sélectionne les molécules inhibant la formation des complexes.

2/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que seule la séquence du motif de  
15           reconnaissance de la protéine p110 (SEQ ID5) est incubée.

3/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que seule une partie de la région II  
est incubée et correspond à la séquence nucléotidique consensus SEQ ID3 ou une  
séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3.

20

4/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que la molécule à tester est incubée  
à des doses croissantes.

5/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que la détection est effectuée par  
25           filtration du mélange au travers d'une membrane de nitrocellulose, puis par mesure de la  
radioactivité liée à la membrane correspondant à la quantité d'ARN fixée sur la  
membrane.

6/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que l'on teste ensuite, ex vivo,  
30           l'influence de la molécule sélectionnée en c) sur la traduction cap-indépendante et la  
traduction cap-dépendante pour ne retenir que les molécules inhibant la traduction  
cap-indépendante sans influencer la traduction cap-dépendante.

7 Procédé selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'on construit des vecteurs  
bicistroniques constitués de deux luciférase encadrant la séquence de la région II (SEQ ID  
2) ou toute séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de la région II (SEQ  
ID 2), ou la séquence consensus (SEQ ID 3) ou une séquence comprenant au moins 8  
5 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3; la première luciférase étant traduite de  
manière cap-dépendante et la seconde de manière cap-indépendante ou inversement.

8/ Utilisation des molécules sélectionnées à l'issue du procédé de criblage objet de l'une  
des revendications 1 à 7 pour la fabrication d'un médicament destiné au traitement de  
10 l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

9/ Utilisation d'un aminoglycoside pour la fabrication d'un médicament destiné au  
traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine  
(BVDV).

15

10/ Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que l'aminoglycoside est la  
tobramycine.

11/ Composition pharmaceutique comprenant un oligonucléotide anti-sens  
20 complémentaire de la séquence SEQ ID 3 ou toute séquence comprenant au moins 8  
nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3.

12/ Utilisation d'un oligonucléotide anti-sens complémentaire de la séquence SEQ ID 3  
ou toute séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3  
25 comme médicament, pour le traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine  
(CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

13/ Procédé de criblage d'une bibliothèque de molécules in silico consistant :  
- à déterminer les coordonnées atomiques soit de la région II de l'IRES (SEQ ID  
30 2) du VHC ou de toute séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de  
la région II (SEQ ID 2) de l'IRES de VHC, soit de la séquence se liant  
spécifiquement au MRR de la protéine P110 de eIF3 (SEQ ID 3) ou une  
séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID  
3, soit du complexe de la région II (SEQ ID 2) ou de la séquence spécifique

7/ Procédé selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'on construit des vecteurs bicistroniques constitués de deux luciférase encadrant la séquence de la région II (SEQ ID 2) ou toute séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de la région II (SEQ ID 2), ou la séquence consensus (SEQ ID 3) ou une séquence comprenant au moins 8  
5 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3; la première luciférase étant traduite de manière cap-dépendante et la seconde de manière cap-indépendante ou inversement.

8/ Utilisation des molécules sélectionnées à l'issue de l'étape c/ du procédé de criblage objet de la revendication 1 pour la fabrication d'un médicament destiné au traitement de  
10 l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

9/ Utilisation d'un aminoglycoside pour la fabrication d'un médicament destiné au traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).  
15

10/ Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que l'aminoglycoside est la tobramycine.

11/ Composition pharmaceutique comprenant un oligonucléotide anti-sens complémentaire de la séquence SEQ ID 3 ou toute séquence comprenant au moins 8  
20 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3.

12/ Utilisation d'un oligonucléotide anti-sens complémentaire de la séquence SEQ ID 3 ou toute séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3  
25 comme médicament, pour le traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

**Déposant** : UNIVERSITE JOSEPH FOURIER  
30 **Mandataire** : Cabinet LAURENT ET CHARRAS

7/ Procédé selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'on construit des vecteurs biélectroniques constitués de deux luciférase encadrant la séquence de la région II (SEQ ID 1) ou toute séquence contenant au moins 10 nucléotides successifs de la région II (SEQ ID 2), ou la séquence consensus (SEQ ID 3) ou une séquence comprenant au moins 8  
5 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3; la première luciférase étant traduite de manière cap-dépendante et la seconde de manière cap-indépendante ou inversement.

8/ Utilisation des molécules sélectionnées à l'issue de l'étape c/ du procédé de criblage objet de la revendication 1 pour la fabrication d'un médicament destiné au traitement de  
10 l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

9/ Utilisation d'un aminoglycoside pour la fabrication d'un médicament destiné au traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

15

10/ Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que l'aminoglycoside est la tobramycine.

11/ Composition pharmaceutique comprenant un oligonucléotide anti-sens complémentaire de la séquence SEQ ID 3 ou toute séquence comprenant au moins 8  
20 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3.

12/ Utilisation d'un oligonucléotide anti-sens complémentaire de la séquence SEQ ID 3 ou toute séquence comprenant au moins 8 nucléotides successifs de la séquence SEQ ID 3  
25 comme médicament, pour le traitement de l'hépatite C (VHC), de la peste porcine (CSFV), de la diarrhée bovine (BVDV).

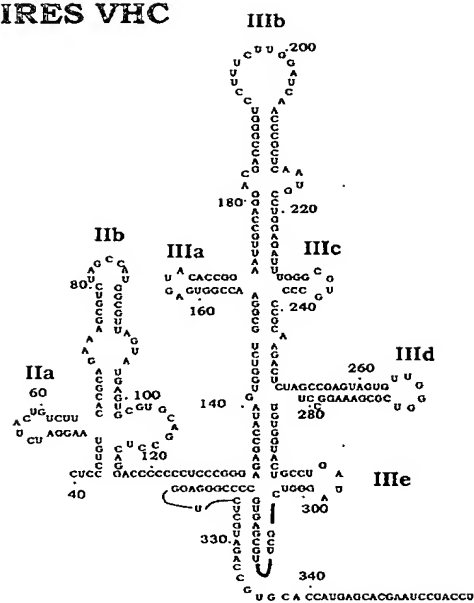
30

(SEQ ID 3) avec le motif de reconnaissance de la protéine p110 de eIF3 (SEQ ID 5)

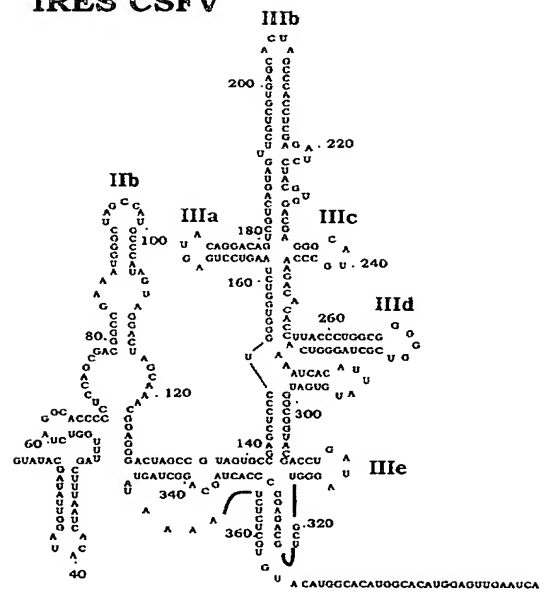
- puis à cribler la bibliothèque de molécules chimiques avec les coordonnées atomiques ainsi déterminées.

1/12

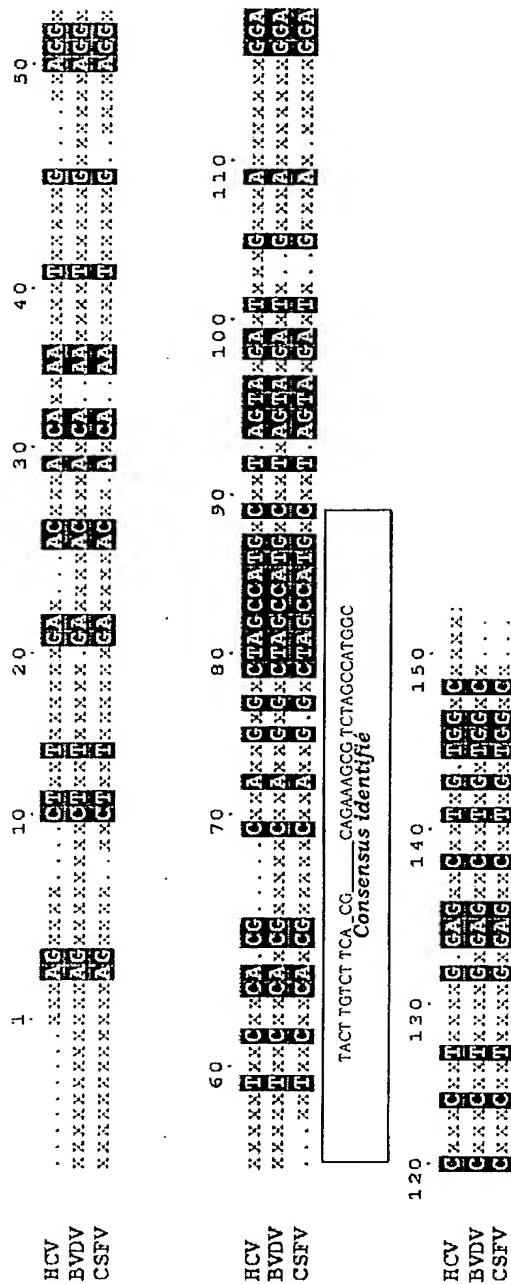
## IRES VHC



## IRES CSFV

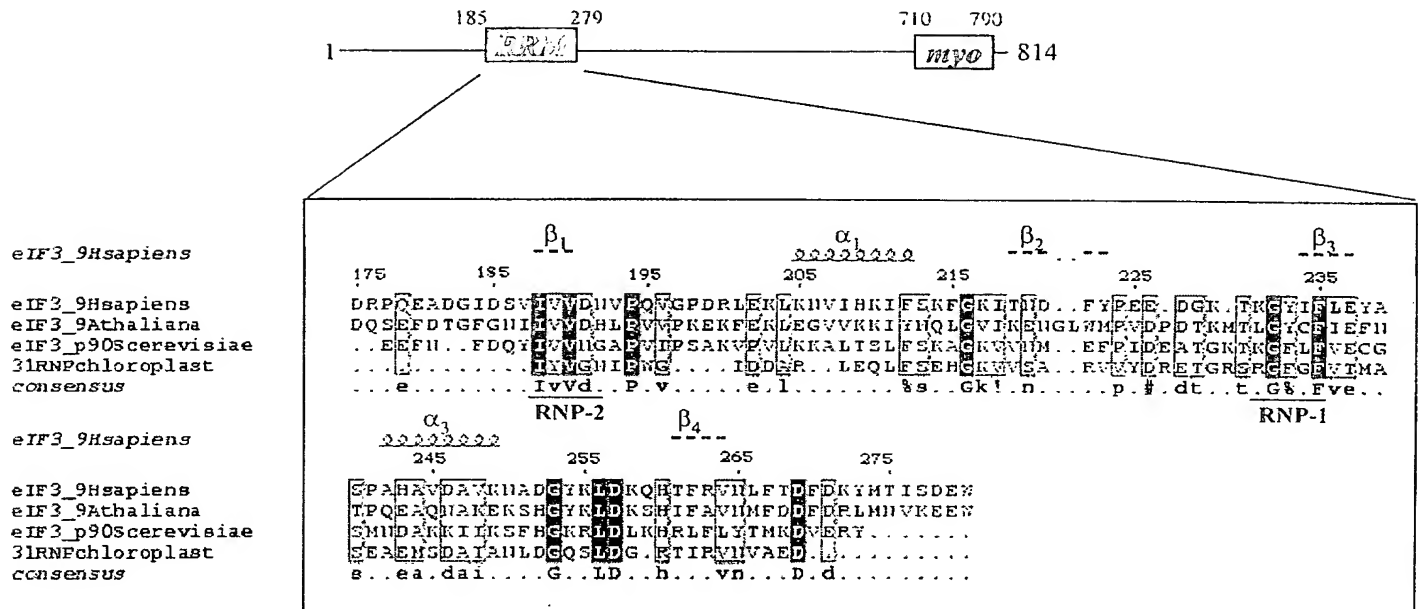
**FIGURE 1A**

2/12

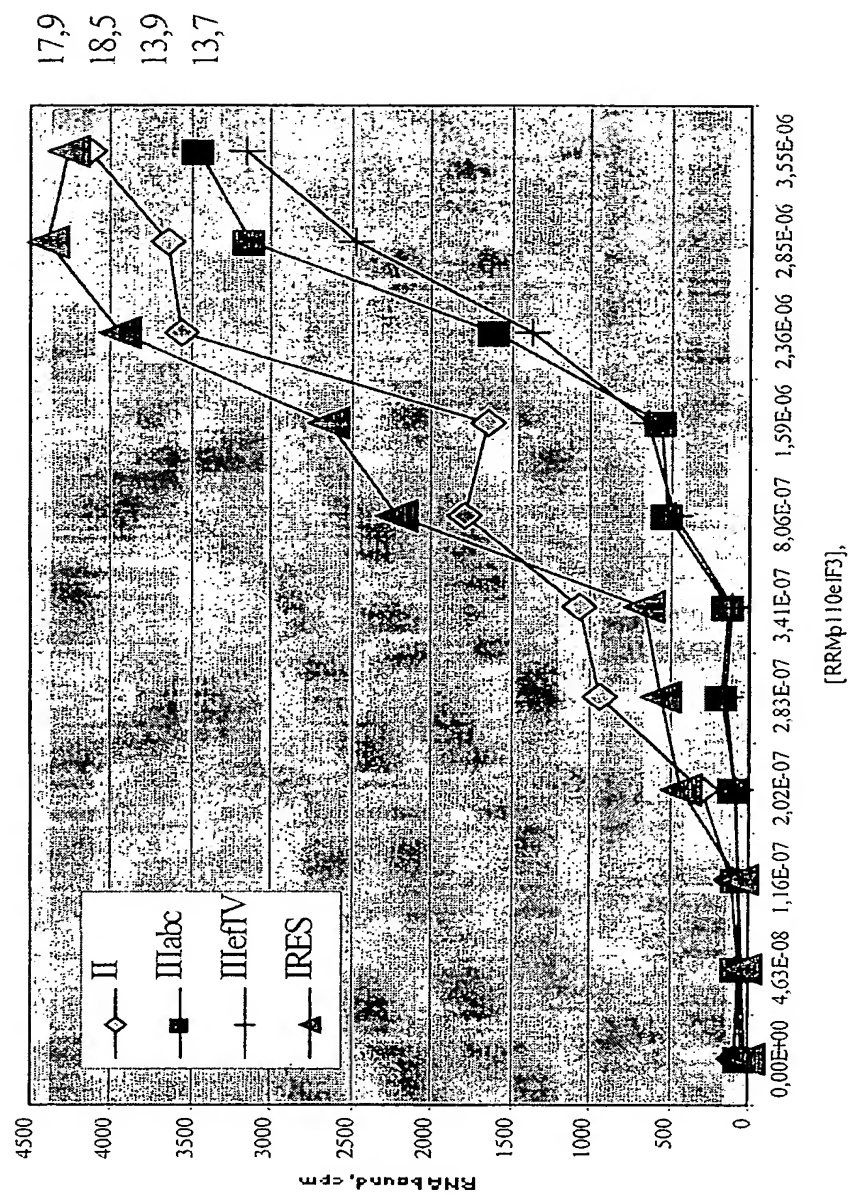


**FIGURE 1B**

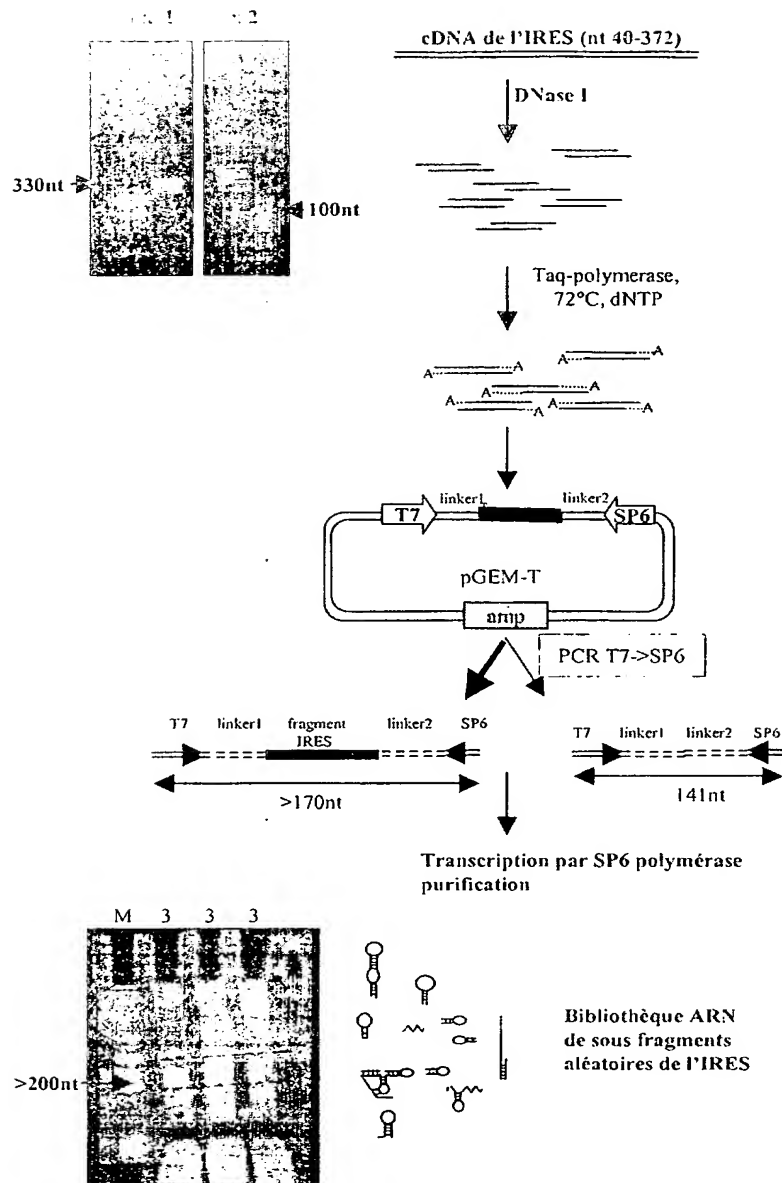
3/12

**FIGURE 2**

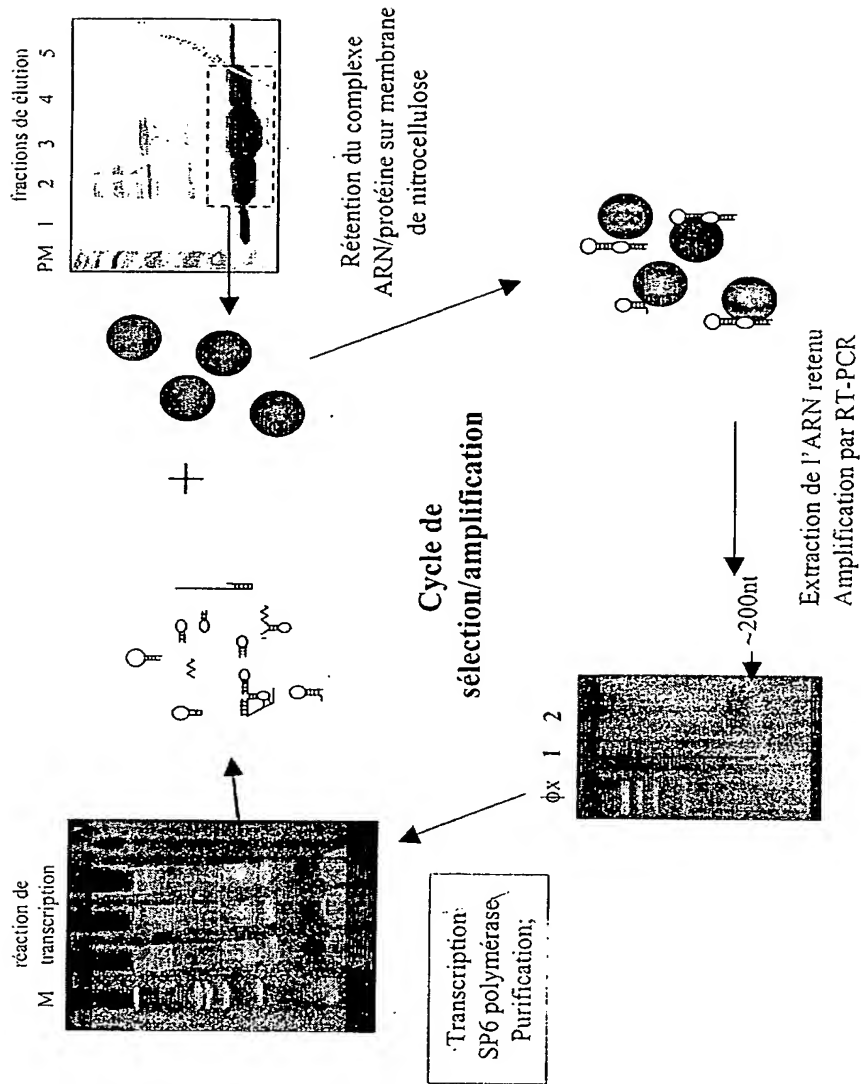
4/12

**FIGURE 3**

5/12

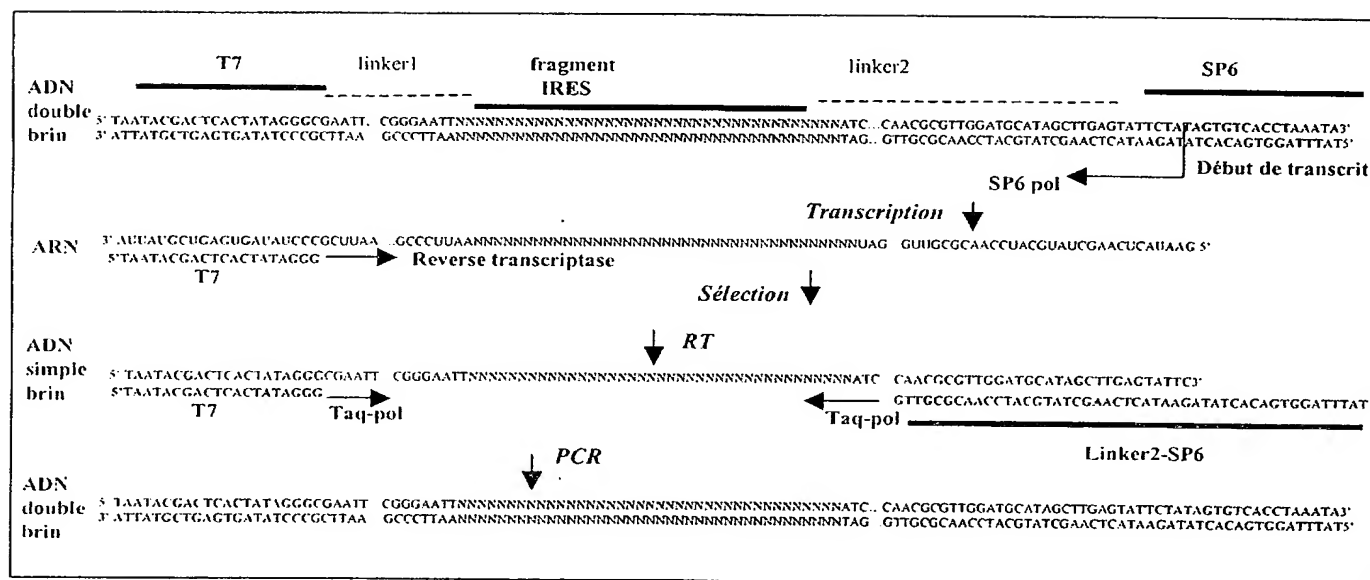
**FIGURE 4**

6/12



**FIGURE 5A**

**FIGURE 5B**



8/12

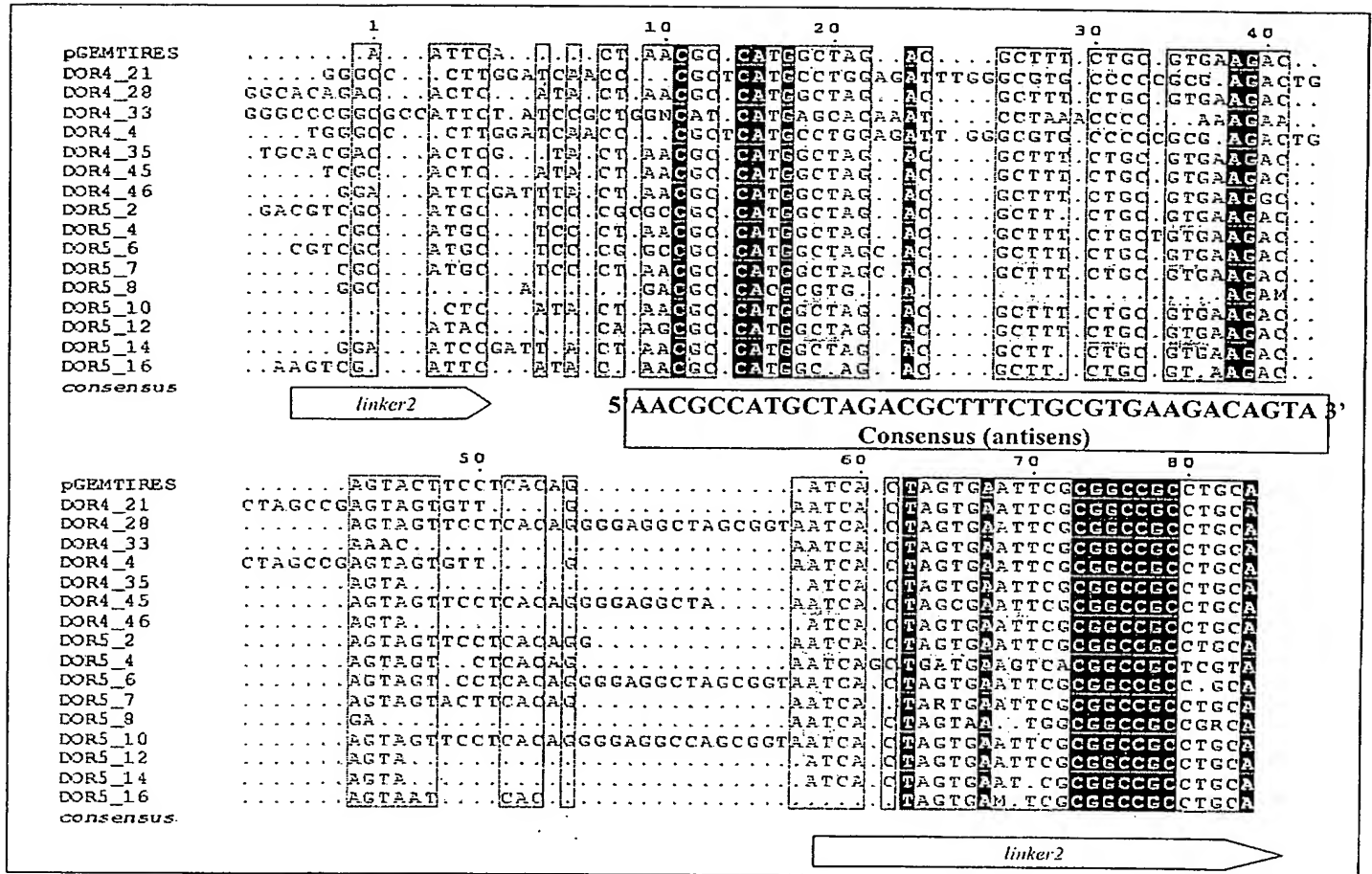


FIGURE 6A



10/12

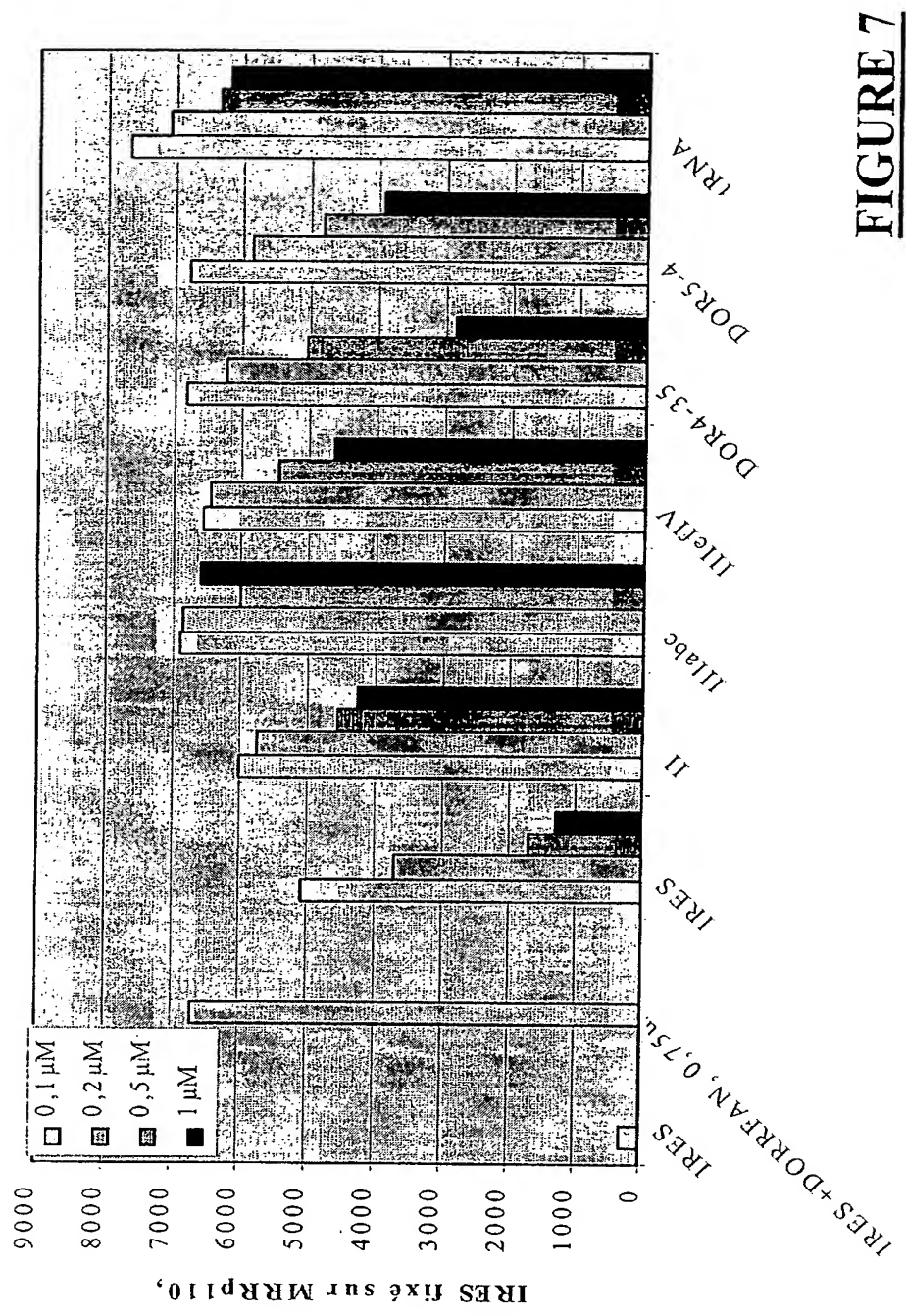


FIGURE 7

11/12

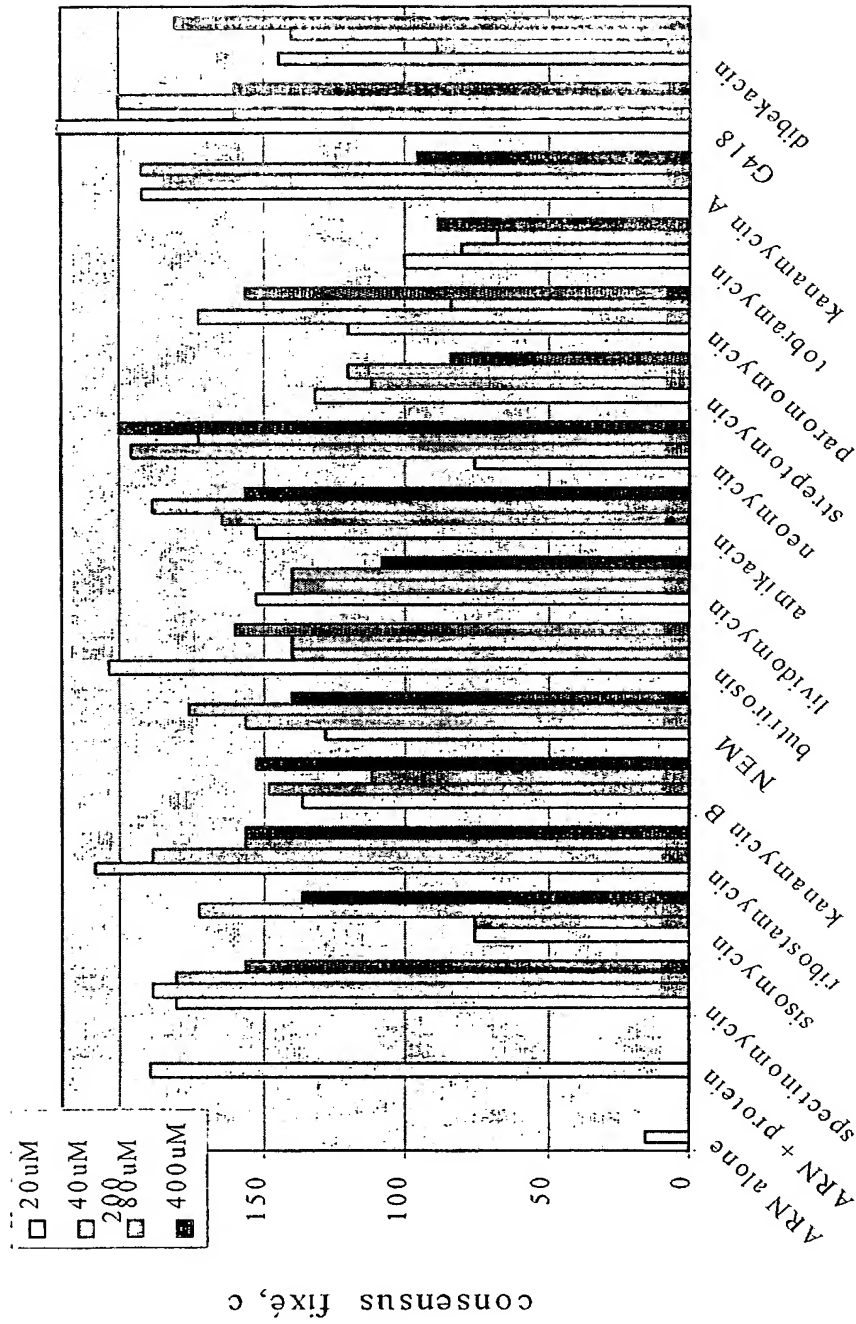


FIGURE 8

11/12

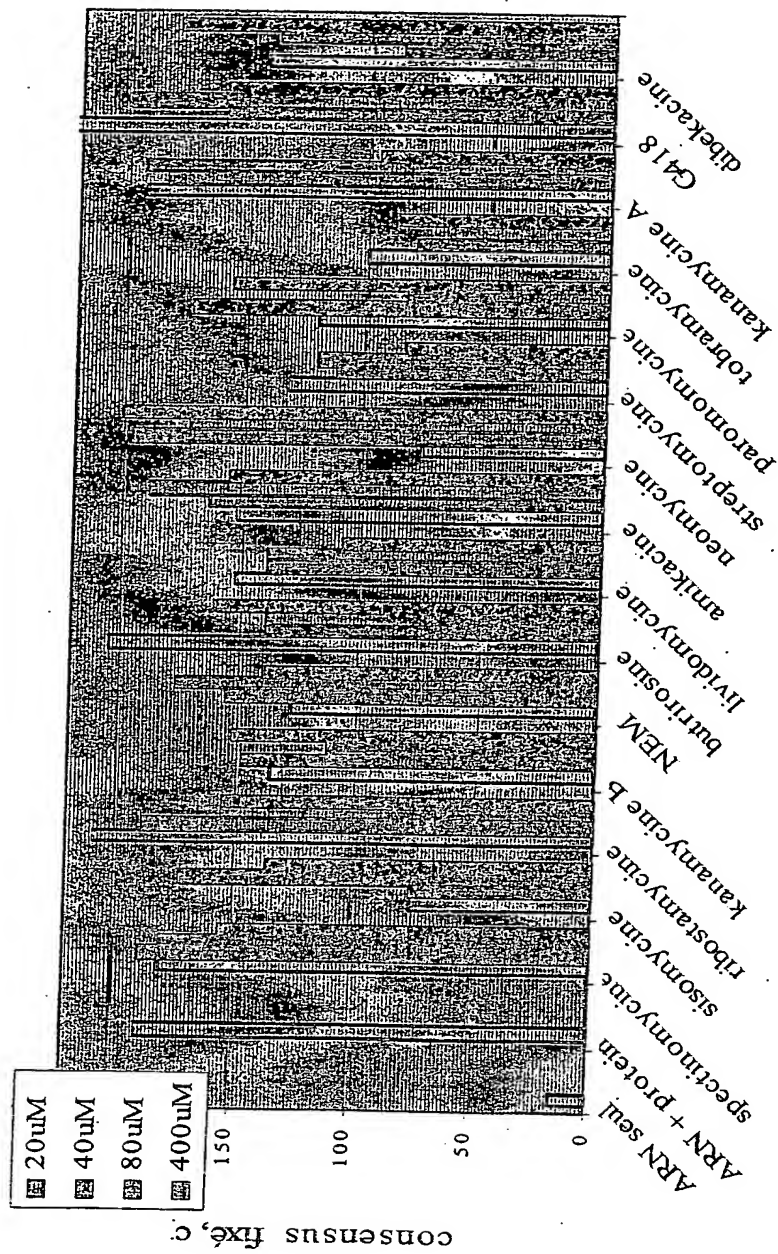
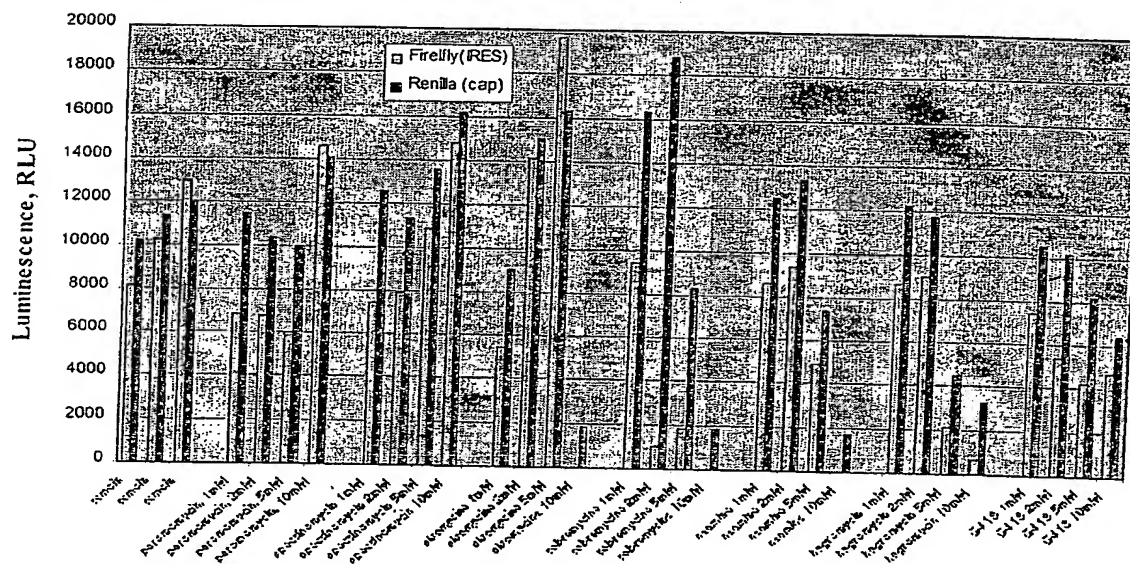
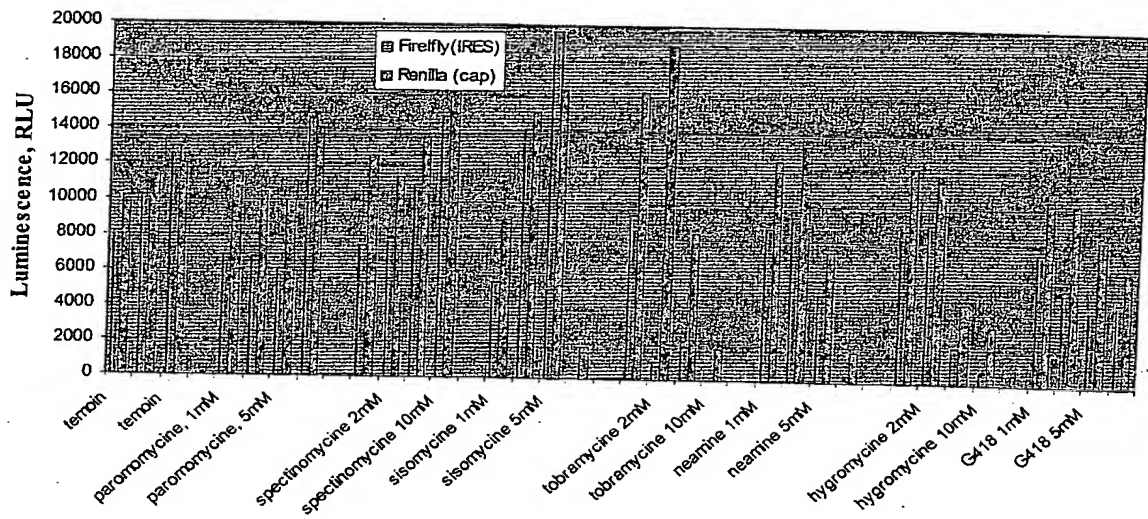
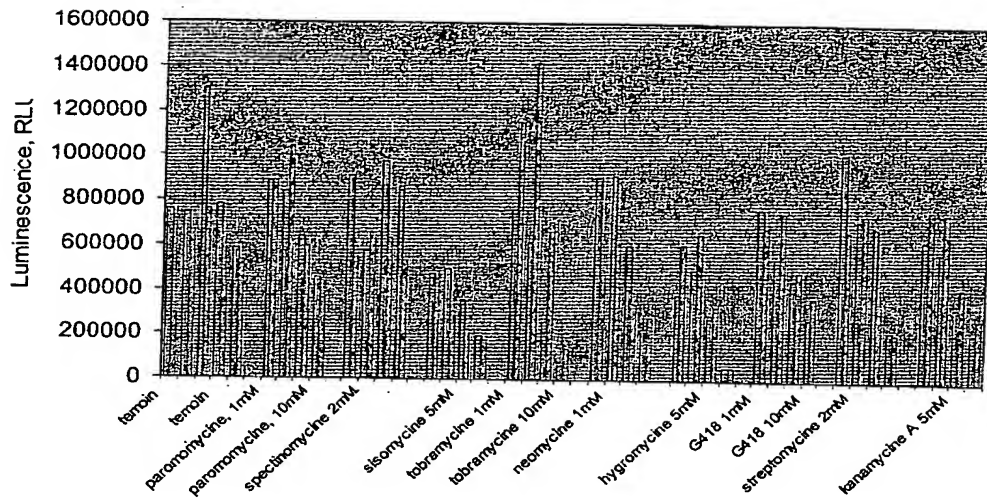


FIGURE 8

[illegible]

### FIGURE 9

12/12



**FIGURE 9**

SEQUENCE LISTING

<110> UNIVERSITE JOSEPH FOURIER

<120> MOLECULE INHIBITRICES DE LA SYNTHÈSE PROTÉIQUE DU VIRUS DE L'HEPATITE C ET PROCÉDE DE CRIBLAGE DESDITES MOLECULES INHIBITRICES

<130> U19-B-19536

<160> 16

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 326

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> IRES du VHC

<400> 1

ctcccctgtg aagaactact gtcttcacgc agaaagcgtc tagccatggc gttagtat  
ga 60

gtgtcgtgca gcctccagga cccccctcc cgggagagcc atagtgggtc gcggaacc  
gg 120

tgagtacacc ggaattgcca ggatgaccgg gtcccttctt ggatcaacc gctcaatg  
cc 180

tggagatttg ggcgtgcccc cgcgagactg ctagccgagt agtgttgggt cgcgaaag  
gc 240

cttgtggtac tgctgatag ggtgcttgcg agtgccccgg gaggtctcgt agaccgtg  
ca 300

tcatgagcac aaatcctaaa gaaaaa  
326

<210> 2

<211> 80

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Région II de IRES de VHC

<400> 2

ctcccctgtg aggaactact gtcttcacgc agaaagcgtc tagccatggc gttagtat

ga. 60

gtgttggtgca gcctccagga  
80

<210> 3  
<211> 37  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Séquence consensus

<400> 3  
tactgtcttc acgcagaaag cgtctagcca tggcggt  
37

<210> 4  
<211> 814  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Sous unité p110 de eIF3

<400> 4

Met Gln Asp Ala Glu Asn Val Ala Val Pro Glu Ala Ala Glu Glu Arg  
1 5 10 15

Ala Glu Pro Gly Gln Gln Gln Pro Ala Ala Glu Pro Pro Pro Ala Glu  
20 25 30

Gly Leu Leu Arg Pro Ala Gly Pro Gly Ala Pro Glu Ala Ala Gly Thr  
35 40 45

Glu Ala Ser Ser Glu Glu Val Gly Ile Ala Glu Ala Gly Pro Glu Pro  
50 55 60

Glu Val Arg Thr Glu Pro Ala Ala Glu Ala Glu Ala Ala Ser Gly Pro  
65 70 75 80

Ser Glu Ser Pro Ser Pro Pro Ala Ala Glu Glu Leu Pro Gly Ser His  
85 90 95

Ala Glu Pro Pro Val Pro Ala Gln Gly Glu Ala Pro Gly Glu Gln Ala  
100 105 110

Arg Asp Glu Arg Ser Asp Ser Arg Ala Gln Ala Val Ser Glu Asp Ala  
115 120 125

Gly Gly Asn Glu Gly Arg Ala Ala Glu Ala Glu Pro Arg Ala Leu Glu  
130 135 140

Asn Gly Asp Ala Asp Glu Pro Ser Phe Ser Asp Pro Glu Asp Phe Val  
145 150 155 160

Asp Asp Val Ser Glu Glu Glu Leu Leu Gly Asp Val Leu Lys Asp Arg  
165 170 175

Pro Gln Glu Ala Asp Gly Ile Asp Ser Val Ile Val Val Asp Asn Val  
180 185 190

Pro Gln Val Gly Pro Asp Arg Leu Glu Lys Leu Lys Asn Val Ile His  
195 200 205

Lys Ile Phe Ser Lys Phe Gly Lys Ile Thr Asn Asp Phe Tyr Pro Glu  
210 215 220

Glu Asp Gly Lys Thr Lys Gly Tyr Ile Phe Leu Glu Tyr Ala Ser Pro  
225 230 235 240

Ala His Ala Val Asp Ala Val Lys Asn Ala Asp Gly Tyr Lys Leu Asp  
245 250 255

Lys Gln His Thr Phe Arg Val Asn Leu Phe Thr Asp Phe Asp Lys Tyr  
260 265 270

Met Thr Ile Ser Asp Glu Trp Asp Ile Pro Glu Lys Gln Pro Phe Lys  
275 280 285

Asp Leu Gly Asn Leu Arg Tyr Trp Leu Glu Glu Ala Glu Cys Arg Asp  
290 295 300

Gln Tyr Ser Val Ile Phe Glu Ser Gly Asp Arg Thr Ser Ile Phe Trp  
305 310 315 320

Asn Asp Val Lys Asp Pro Val Ser Ile Glu Glu Arg Ala Arg Trp Thr  
325 330 335

Glu Thr Tyr Val Arg Trp Ser Pro Lys Gly Thr Tyr Leu Ala Thr Phe

340

345

350

His Gln Arg Gly Ile Ala Leu Trp Gly Gly Glu Lys Phe Lys Gln Ile

355

360

365

Gln Arg Phe Ser His Gln Gly Val Gln Leu Ile Asp Phe Ser Pro Cys

370

375

380

Glu Arg Tyr Leu Val Thr Phe Ser Pro Leu Met Asp Thr Gln Asp Asp

385

390

395

400

Pro Gln Ala Ile Ile Ile Trp Asp Ile Leu Thr Gly His Lys Lys Arg

405

410

415

Gly Phe His Cys Glu Ser Ser Ala His Trp Pro Ile Phe Lys Trp Ser

420

425

430

His Asp Gly Lys Phe Phe Ala Arg Met Thr Leu Asp Thr Leu Ser Ile

435

440

445

Tyr Glu Thr Pro Ser Met Gly Leu Leu Asp Lys Lys Ser Leu Lys Ile

450

455

460

Ser Gly Ile Lys Asp Phe Ser Trp Ser Pro Gly Gly Asn Ile Ile Ala

465

470

475

480

Phe Trp Val Pro Glu Asp Lys Asp Ile Pro Ala Arg Val Thr Leu Met  
485 490 495

Gln Leu Pro Thr Arg Gln Glu Ile Arg Val Arg Asn Leu Phe Asn Val  
500 505 510

Val Asp Cys Lys Leu His Trp Gln Lys Asn Gly Asp Tyr Leu Cys Val  
515 520 525

Lys Val Asp Arg Thr Pro Lys Gly Thr Gln Gly Val Val Thr Asn Phe  
530 535 540

Glu Ile Phe Arg Met Arg Glu Lys Gln Val Pro Val Asp Val Val Glu  
545 550 555 560

Met Lys Glu Thr Ile Ile Ala Phe Ala Trp Glu Pro Asn Gly Ser Lys  
565 570 575

Phe Ala Val Leu His Gly Glu Ala Pro Arg Ile Ser Val Ser Phe Tyr  
580 585 590

His Val Lys Asn Asn Gly Lys Ile Glu Leu Ile Lys Met Phe Asp Lys  
595 600 605

Gln Gln Ala Asn Thr Ile Phe Trp Ser Pro Gln Gly Gln Phe Val Val  
610 615 620

Leu Ala Gly Leu Arg Ser Met Asn Gly Ala Leu Ala Phe Val Asp Thr  
 615 630 635 640

Ser Asp Cys Thr Val Met Asn Ile Ala Glu His Tyr Met Ala Ser Asp  
 645 650 655

Val Glu Trp Asp Pro Thr Gly Arg Tyr Val Val Thr Ser Val Ser Trp  
 660 665 670

Trp Ser His Lys Val Asp Asn Ala Tyr Trp Leu Trp Thr Phe Gln Gly  
 675 680 685

Arg Leu Leu Gln Lys Asn Asn Lys Asp Arg Phe Cys Gln Leu Leu Trp  
 690 695 700

Arg Pro Arg Pro Pro Thr Leu Leu Ser Gln Glu Gln Ile Lys Gln Ile  
 705 710 715 720

Lys Lys Asp Leu Lys Lys Tyr Ser Lys Ile Phe Glu Gln Lys Asp Arg  
 725 730 735

Leu Ser Gln Ser Lys Ala Ser Lys Glu Leu Val Glu Arg Arg Arg Thr  
 740 745 750

Met Met Glu Asp Phe Arg Lys Tyr Arg Lys Met Ala Gln Glu Leu Tyr

755

760

765

Met Glu Gln Lys Asn Glu Arg Leu Glu Leu Arg Gly Gly Val Asp Thr

770

775

780

Asp Glu Leu Asp Ser Asn Val Asp Asp Trp Glu Glu Glu Thr Ile Glu

785

790

795

800

Phe Phe Val Thr Glu Glu Ile Ile Pro Leu Gly Asn Gln Glu  
805 810

<210> 5

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> MRR de p110

<400> 5

Met Asp Arg Pro Gln Glu Ala Asp Gly Ile Asp Ser Val Ile Val Val

1

5

10

15

Asp Asn Val Pro Gln Val Gly Pro Asp Arg Leu Glu Lys Leu Lys Asn

20

25

30

Val Ile His Lys Ile Phe Ser Lys Phe Gly Lys Ile Thr Asn Asp Phe

35

40

45

Tyr Pro Glu Glu Asp Gly Lys Thr Lys Gly Tyr Ile Phe Leu Glu Tyr

50

55

60

**This Page Blank (uspto)**